

Figure 1

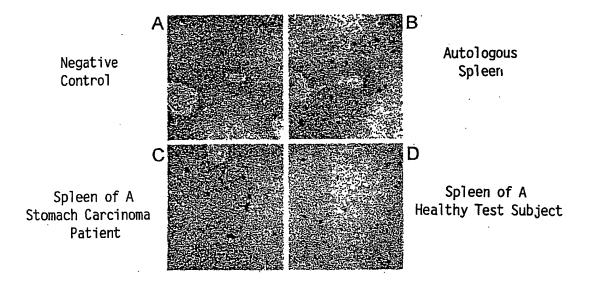


Figure 2

BEST AVAILABLE COPY

ACG Thr

CTG

TAT CTG CAA ATG

AAC Asn Ser

AGC

CIG

AGA GCT GAG GAC

ACG Thr

Leu Arg Ala

Glu

Asp

Ala GCT

Val Tyr Tyr GTG TAT TAC

NO:4) NO:3) NO:2)

-C----Ala

> (SEQ OES) (SEQ

(SEQ

IJ

NO:1)

QES) QES) (SEQ

NO:1) NO:2)

8888

(SEQ

NO:4)

Tyr Leu Gln Met

H

Met

Val q. Leu

SC-1 heavy chain sequence

	P-49 0/11	
	AGG TCC CTG AGA CTC TCC TGT GCA GCC TCT GGA TTC ACC TTC AGT ATG Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser	
Thr	AGC TAT GGC ATG CAC Ser Tyr Gly Met His	CDR I
Qas)	TGG GTC CGC CAG GCT CCA (SEQ Trp Val Arg Gln Ala Pro (SEQ	
ID NO:1)	ID NO:4) ID NO:3) ID NO:2)	

GIT Val

ATA

GAT Asp

1 Ile

Ser TCA

ŢŢ

Gly Ser GGA AGT

Asn

Lys

Tyr

Tyr

Asp

Val GIG

Lys AAG 999 G1y

Arg CGA

(SEQ (SEQ (SEQ

NO:1)

####

NO:4)
NO:3)
NO:2)

AAT AAA TAC

TAT GCA GAC Ala

TCC

CDR

II,

Leu

PCT/IB2004/004407

20 20

FIGURE 3